

種分化モデルによる進化型繰り返し囚人のジレンマゲームでの適応度の向上

植竹 蓮^{1,a)} 佐藤 尚^{1,b)}

概要：進化ゲーム理論では、個体の振る舞い方を決める戦略を進化させる手法として遺伝的アルゴリズム（以下 GA）がよく用いられる。一方、生物の進化では、種分化という現象が確認されている。このような種分化の概念を導入した GA に関する研究はいくつか報告されている。しかし、進化ゲーム理論において、種分化という現象によって戦略の進化にどのような影響を与えられるのかについて検証した研究は見当たらない。そこで本研究は、進化ゲーム理論において種分化がどのような影響を与えうるのかを明らかにすることを目的とする。具体的には、進化型繰り返し囚人のジレンマゲーム（以下 EIPDG）に種分化の概念を導入したモデルを含む 3 種類のモデルで進化シミュレーション実験を行なう。実験の結果、EIPDG において、種分化の概念を導入した場合、個体が獲得する適応度が一般的な進化モデルよりも高くなることが分かった。

Improvement of Fitness by Speciation Model in an Evolutionary Iterated Prisoners' Dilemma Game.

UETAKE REN^{1,a)} SATO TAKASHI^{1,b)}

1. 序論

社会などにおける相互依存関係を分析するためのものにゲーム理論がある [9]。ゲーム理論は、「ゲームに参加する全てのプレイヤーは合理的で理性的な行動主体である」ことと、「ゲームのルールと互いの合理性がプレイヤーの共有知識である」ことの 2 つが前提とされる [9]。

上述の完全合理性では現実の人間の行動を十分に説明できないとして、限定合理性の研究への関心が高まってきた頃に登場したのが進化ゲーム理論である [9]。進化ゲーム理論は、ゲーム理論に生物進化の自然淘汰や突然変異などの概念を導入することで、動学的な分析を可能にしたものである。進化ゲーム理論において、自然淘汰や突然変異を表現する代表的なアルゴリズムとして、遺伝的アルゴリズム（Genetic Algorithm; GA）がある [3]。

また、生物の進化という点に着目すると、現実の生物において種分化という現象が確認されている。この種分化とは、生物が進化していく過程で、1 つの種から生殖的に隔離されている別の種に分かれる現象 [7] のことである。ここでいう「生殖的に隔離されている」とは、別種同士が交配しても雑種が生まれなかったり、雑種が不妊であったりすることである [2]。一般的には、種分化は生物多様性を生み出しているとされている [2]。

種分化を GA に導入した研究がいくつか報告されている [4] [10]。Li ら [4] は、個体の類似度に従って同じような種に分割して保護するという “Species Conservation for Evolving Parallel Subpopulations” と呼ばれる手法を提案し、この手法が多峰性最適化問題において複数の解を見つけることに効果的であることを証明している。また、曾根田ら [10] は、分離比歪み遺伝子による種分化の概念を導入した GA を提案した。一様スケール問題であるだまし問題を対象に性能評価を行い、GA 単独よりも良い性能となることを示している。

¹ 沖縄工業高等専門学校
Henoko, Nago, Okinawa 905-2192, Japan
a) ac184702@edu.okinawa-ct.ac.jp
b) stakashi@okinawa-ct.ac.jp

表 1 囚人のジレンマゲームの利得表.

Table 1 Payoff matrix in the Prisoners' Dilemma Game.

A\B	プレイヤー B		
	協調	裏切り	
プレイヤー A	協調	R\R	S\T
	裏切り	T\S	P\P

対して生物進化の概念を導入しているにもかかわらず、進化ゲーム理論をベースにした研究において種分化が導入されたものは見当たらない。そのため、種分化という概念が進化ゲーム理論の枠組みを用いた研究においてどのような影響を与えるのかについては考えられていない。そこで本研究では、進化ゲーム理論において種分化がどのような影響を与えるのかを明らかにすることを目的とする。

具体的な研究方法としては、進化ゲーム理論でよく用いられる進化型繰り返し囚人のジレンマゲームに、種分化の概念を導入したモデルを提案する。また、提案モデルと比較するための基準進化モデル、そして島選択モデル*1の2種類のモデルも採用する。これらの3種類のモデルを用いて進化シミュレーション実験を行なう。

2. モデル

2.1 進化型繰り返し囚人のジレンマゲーム

まずはじめに、囚人のジレンマゲームについて説明する。囚人のジレンマゲームとは、ゲーム理論で用いられるゲーム論的枠組みの中で最も有名なゲームの1つである [11]。囚人のジレンマゲームは、2人のプレイヤーがそれぞれ独立に「協調」または「裏切り」という2つの行動をとり、表1に示されるような特徴を持つゲームである [11]。また、囚人のジレンマゲームは表1において、以下の式を満たしている必要がある [9]。

$$\begin{cases} T > R > P > S \\ 2R > (S + T) \end{cases} \quad (1)$$

上述の囚人のジレンマゲームを繰り返してプレイするものを繰り返し囚人のジレンマゲーム (Iterated Prisoners' Dilemma Game; IPDG) という。

本研究では、この繰り返し囚人のジレンマゲームに自然淘汰や突然変異を導入した、進化型繰り返し囚人のジレンマゲーム (Evolutionary Iterated Prisoners' Dilemma Game; EIPDG) [5] を採用する。

EIPDG では N 個体の集団を用意し、選択された2プレイヤー間で T 回の囚人のジレンマゲームをプレイさせる。ゲームをプレイするプレイヤーは総当たりで選択される。従って、ある世代でプレイヤー i が行うゲームの総数 TG_i は、

$$TG_i = \frac{N(N-1)}{2} \times T \quad (2)$$

となる。さらに、例えばあるゲームで、プレイヤー i が「協調」、プレイヤー j が「裏切り」という行動をとったとする。その時の両プレイヤーが得られる利得は、表1よりプレイヤー i が S 、プレイヤー j が T となる。これを TG_i (あるいは TG_j) 回プレイして得られた利得の総和を総利得とする。ある世代においてプレイヤー i が得られた総利得を TP_i とした時、そのプレイヤー i の適応度 F_i を以下の式で求める。

$$F_i = \frac{TP_i}{N} \quad (3)$$

ここから、ある世代におけるこの適応度に比例する形でGAの遺伝的操作を施す個体を決定する。

EIPDG は以下のように繰り返される。

- (1) N 人で構成される集団から囚人のジレンマゲームを行なうプレイヤー i と j を選択する。ただし、 $i = j$ とならないようにする。
- (2) プレイヤー i , j 間で囚人のジレンマゲームを T 回行なう。
- (3) 集団内の全個体が自分以外の全個体との対戦を終了したら、式 (2) および式 (3) を用いて各プレイヤーの適応度 (F_1, \dots, F_N) を計算する。
- (4) 計算した適応度を用いて遺伝的操作を施す2プレイヤー i , j を選択手法を用いて選択する。
- (5) 選択されたプレイヤーに遺伝的操作を施して、新たなプレイヤーを生成する。
- (6) 新しいプレイヤーで集団が満たされるまで4から5を繰り返す。
- (7) 最大世代 G になるまで1から6を繰り返す。

2.2 基準進化モデル

本節では、第2.1節で説明した進化型繰り返し囚人のジレンマゲームを行なうプレイヤーの進化モデルを説明する。基準進化モデルとして Lindgren[5] のプレイヤーモデルを採用する。

このモデルのプレイヤーは、図1に示されるように、過去の自分と相手の行動に応じて、その時に自分が取る行動を決定する。そのため、過去の対戦履歴 H_m と、 H_m の時にどのような行動を取るのかを決める戦略 STR の2つのメモリを持つ。第2.1節で示した協調・裏切りという行動は、それぞれ0と1で表現する。

対戦履歴 H_m は以下の式 (4) に示されるように、これまでの自分と相手の行動が格納されている2進数のビット列である。

$$H_m = (a_{m-1}, \dots, a_1, a_0) \quad (4)$$

ここで a_0 には前回の相手の行動が入り、 a_1 には前回の自

*1 一般的に種分化が生物の多様性を創出・維持する機能を持つものであるとして見たときに、島選択モデルはGAにおいて多様性を創出・維持するために開発されたものであると考えられるため、比較対象の1つとして採用する。

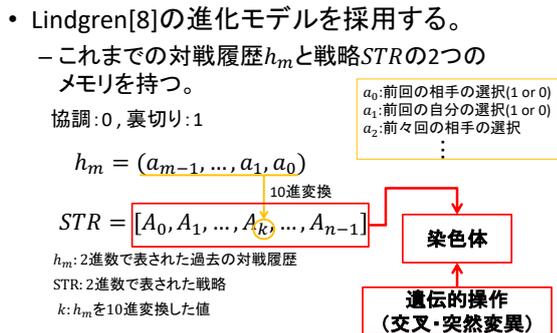


図 1 Lindgren によって提案されたプレイヤーの行動戦略モデル [5].

Fig. 1 Behavior strategy model of player proposed by the Lindgren[5].

分の行動が入る. 同じように, a_2 には前々回の相手の行動, a_3 には前々回の自分の行動...と m ビットまで続く. この H_m を 10 進変換したものが k になる.

戦略 STR も以下の式 (5) に示されるように, 2 進数のビット列になっており, H_m のときにどのような行動を取るのかを決めるものとなっている.

$$STR = (A_0, A_1, \dots, A_k, \dots, A_{n-1}) \quad (5)$$

上述の k を添え字にした A_k に入っている値が H_m の時に自分が取る行動となる. ここで, n は 2^m となる. 例えば, 今まで自分も相手も協調という行動を取ってきた場合には, H_m には全て 0 が入る. このような H_m を 10 進変換した場合, k は 0 となるため, A_0 に入っている行動を取ることになる.

元々の Lindgren のモデルでは, 遺伝的操作に染色体の長さを変える突然変異が採用されていたため, 染色体は可変長である. さらに, 遺伝的操作に交叉は採用されていない. しかし, 本研究では種分化という概念を導入するために交叉が必要である. そのため, 染色体の長さを変える突然変異を不採用とすることで染色体を固定長にして交叉の処理を加えられるように変更する.

2.3 島選択モデル

本節では, 島選択モデルの説明を行なう. このモデルは第 2.2 節の基準進化モデルに三木ら [6] の島選択の概念を導入したものである.

このモデルは新しいプレイヤーのモデルという訳ではない. プレイヤーのモデルはあくまで基準進化モデルである. ゲームを行なうプレイヤー, そして遺伝的操作を施すプレイヤーを選択するときの処理が異なっているモデルである.

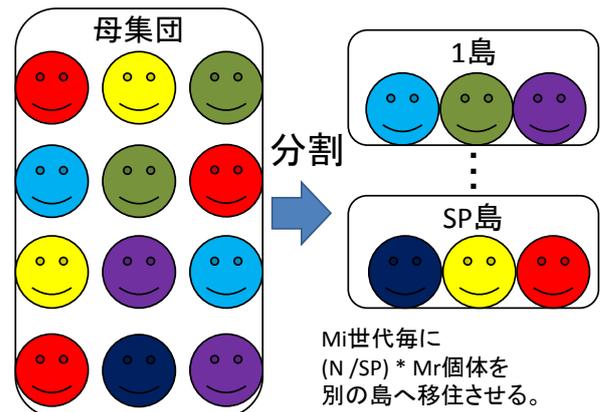


図 2 島選択モデル [6].

Fig. 2 Island selection model[6].

島選択モデルは, 母集団をいくつかの島に分割し, それぞれを独立に進化させていくモデルである. このモデルでは島をまたいでゲームをプレイすることと遺伝的操作を施すことができない. 例えば, 第 1 島に所属しているプレイヤーが第 2 島に所属しているプレイヤーとはゲームをプレイできないし, 遺伝的操作も行われぬ. また, ある期間ごとにある割合のプレイヤーだけ別の島へ移住させるという処理が行われる. ここで, いくつの島に分割するのかを表したパラメータが SP , 移住を行なう間隔を M_i , 移住を行なうプレイヤーの割合を M_r と表現すると, 島選択モデルの流れとしては以下ようになる.

- (1) 母集団を SP 個に分割. ここで各島に属するプレイヤーは $\frac{N}{SP}$ 体となる.
- (2) 各島それぞれの中で第 2.1 節で示した進化型繰り返し囚人のジレンマゲームを行なう.
- (3) M_i 世代が経過したとき, 各島から $\frac{N}{SP} \times M_r$ のプレイヤーをランダムに選択して移住させる.
- (4) 最大世代 G になるまで 1 から 3 を繰り返す.

2.4 種分化モデル

本節では, 種分化モデルの説明を行なう. このモデルも, 第 2.3 節の島選択モデルと同様に, 第 2.2 節の基準進化モデルに曾根田ら [10] が提案した種分化の概念を導入した GA を採用したものである.

このモデルは, 分離比歪み遺伝子 [10] による種分化をモデル化したものである. 分離比の歪みについて説明する. 本来であればメンデルの分離の法則 [1] により, 父方の遺伝子と母方の遺伝子は 1:1 の割合で子供に伝わる. しかし, このメンデルの法則が成立せずに, 父方の遺伝子と母方の遺伝子が異なって遺伝することを分離比の歪みという [1]. この分離比の歪みを引き起こす遺伝子のことを分離比歪み遺伝子という [10].

分離比の歪みが種分化を引き起こす基本原理は, 次の通

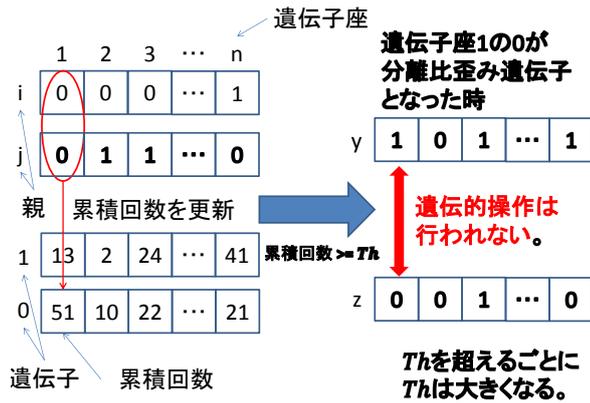


図 3 種分化モデル. [10]
Fig. 3 Speciation model[10].

りである [10]. 減数分裂の際に, ある遺伝子座における母方の遺伝子を壊す父方の分離比歪み遺伝子の存在を仮定する. そうすると, その遺伝子座において父方の遺伝子が増える. この時同時に, 原理的には別の遺伝子座で父方の遺伝子を壊す母方の分離比歪み遺伝子の存在も仮定できる. このように父方と母方の両方に互いの遺伝子を壊す分離比歪み遺伝子が存在している時, 父方の分離比歪み遺伝子を持っているプレイヤーと, 母方の分離比歪み遺伝子を持っているプレイヤーとは生殖的に隔離されることになる. このような分離比歪み遺伝子による種分化は以下のように表現される [10].

- (1) 遺伝的操作の際に 2 プレイヤー (i, j) を選択する.
- (2) 2 プレイヤーの染色体において同じ遺伝子座に同じ遺伝子が存在している回数を各遺伝子座, 各遺伝子で累積していく.
- (3) 累積回数がある一定値 Th を超えた際に, その遺伝子座におけるその遺伝子を分離比歪み遺伝子として定義する. 分離比歪み遺伝子が生成されるたびに Th は一定値が加算されて大きくなっていく.
- (4) 新たに選択されてきた 2 プレイヤー (y, z) の分離比歪み遺伝子が生成されている遺伝子座において, 分離比歪み遺伝子以外の遺伝子が存在したとき, 選択された 2 プレイヤーには遺伝的操作は行わない.

これらの, 遺伝的操作が行われるプレイヤー群と行われないプレイヤー群に分けるという部分で, 種分化の概念の成立要件である生殖隔離を表現しているモデルとなっている. この種分化モデルの概念図を図 3 に示す.

3. シミュレーション実験

3.1 シミュレーション実験の設定

まず, 各モデル共通のパラメータを示す. 乱数シードの数は 50, 1 対戦あたりのゲーム数 T は 100, プレイヤー数 N は 128, 最大世代数 G は 10000 とし, 遺伝的操作における選択手法はルーレット選択, 交叉手法は一様交叉, 突然

表 2 各モデル共通の設定

Table 2 Common parameters of all models

乱数シードの数	50
1 対戦あたりのゲーム数 T	100
プレイヤー数 N	128
最大世代数 G	10000
GA の選択手法	ルーレット選択
交叉手法	一様交叉
突然変異手法	一点突然変異
染色体の長さ m	16bit
対戦履歴の長さ n	4bit

変異手法は一点突然変異を採用する. また, 染色体 STR の長さ n は 16bit (固定長), 対戦履歴 H_m の長さ m は 4bit とする. さらに, ゲームの利得については, 第 2.1 節で示した表 1 の R を 3, S を 0, T を 5, そして P を 1 とする.

次に, 各モデルのパラメータを説明する. 基準進化モデルのパラメータは, 交叉率 P_c を 0.6, 突然変異率 P_m を 0.04 とする. また, 各プレイヤーの初期状態として, どんなどきにも協調をとる ALLC, どんなどきにも裏切りをとる ALLD, 前回の相手と同じ行動をとる TFT, 前回の相手と逆の行動をとる ATFT の 4 種類の戦略をそれぞれ 32 個体ずつ ($N/4$) とする. さらに, H_m の初期化として, H_m が取りうる全てのパターンを集団内に均等に割り振る. そのため, 各戦略でそれぞれ 2 プレイヤーずつ同じ H_m を持つこととなる.

島選択モデルのパラメータは, P_c を 1.0, P_m を 0.02, 分割数 SP を 4, 移住間隔 M_i を 100, 移住率 M_r を 0.6 とする. また, 各島の初期状態として, ALLC, ALLD, TFT, ATFT の 4 種類の戦略をもつプレイヤーでそれぞれ満たす. H_m の初期化は基準進化モデルと同様にする. すなわち, 各島で同じ H_m を持つ個体は 2 個体ずつとする.

種分化モデルのパラメータは, P_c を 0.6, P_m を 0.04, 分離比歪み遺伝子が生成される間隔 Th を 15000 とする. また, 各プレイヤーの初期状態は基準進化モデルと同様とする.

これまでのパラメータを表 2~5 に示す.

3.2 シミュレーション実験の結果

3.2.1 適応度の推移

まず, 各モデルの適応度の結果を図 4 から 6 に示す. 各図の縦軸が適応度, そして横軸が世代数となっている. また赤線が平均値, 青線が最大値, 緑線が最低値, オレンジの線が標準偏差となっている. 第 2.1 節でも説明したように, 適応度とは EIPDG において総当たり戦を行なって得た総利得を人数で割ったものであり, これはそのプレイヤーが集団でどれだけ生き残り易いのかを表現する値となっている.

まず, 基準進化モデルの適応度の推移について説明する.

表 3 基準進化モデルの設定

Table 3 Parameters of standard evolution model.

P_c	0.6
P_m	0.04

表 4 島選択モデルの設定

Table 4 Parameters of island selection model.

P_c	1.0
P_m	0.02
SP	4
M_i	100
M_r	0.6

表 5 種分化モデルの設定

Table 5 Parameters of speciation model.

P_c	0.6
P_m	0.04
Th	15000

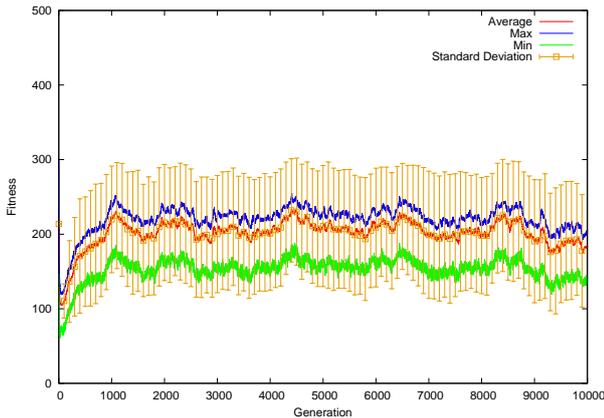


図 4 基準進化モデルにおける適応度.

Fig. 4 Fitness in standard evolution model.

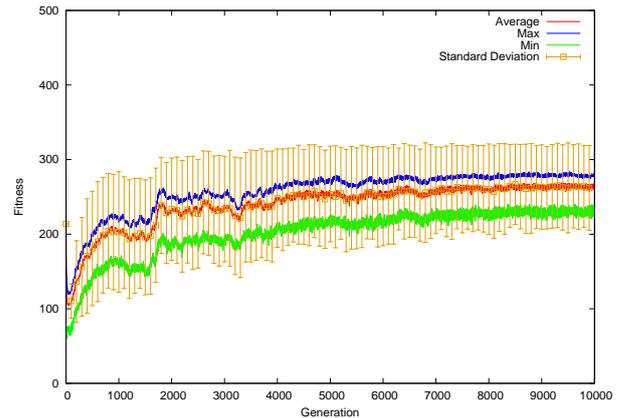


図 6 種分化モデルにおける適応度.

Fig. 6 Fitness in speciation model.

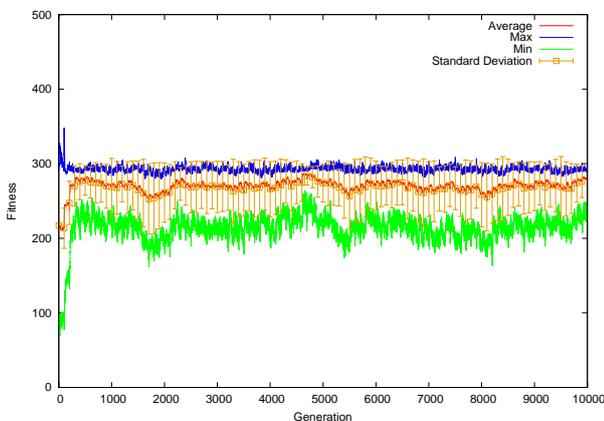


図 5 島選択モデルにおける適応度.

Fig. 5 Fitness in island model.

図 4 に示されるように、基準進化モデルの適応度は、200 点付近で振動している。標準偏差の幅に着目すると、幅が大きい。すなわち、初期値依存性が高いモデルであることが分かる。

次に、島選択モデルの適応度の推移について説明する。図 5 に示されるように、島選択モデルの適応度は、序盤から 300 点付近で安定している。また、基準進化モデルよりも標準偏差の幅が小さいことから、初期値依存性が比較的低いモデルであることが分かる。

そして最後に、種分化モデルの適応度の推移について説

明する。図 6 に示されるように、種分化モデルの適応度は、ゆっくりとではあるが徐々に上昇しており、最終的には 300 点前で安定している。標準偏差の幅は島選択モデルよりは大きい。しかし、基準進化モデルよりは小さくなっている。

3.2.2 種数の推移

次に、各モデルの種数の結果を図 7 から 9 に示す。ここでは、種数は同じ染色体を持ったプレイヤーの数と定義している。縦軸が種数、そして横軸が世代数となっている。濃い緑色の線が種数、薄い緑色の線が標準偏差を表す。

まず、基準進化モデルの種数の推移について説明する。図 7 に示されるように、基準進化モデルの種数は、集団内で常に約 70 種から 80 種のプレイヤーが存在している。標準偏差の幅が大きいため、適応度と同様にこちらも初期値依存性が高い結果になっている。

次に、島選択モデルの種数の推移について説明する。図 8 に示されるように、島選択モデルの種数は、30 種から 100 種の間を激しく振動している。この現象は、移住が起こることで、それまで島にいなかった種が入ってくるため、一気に多様性が増加したのだと考えられる。

そして最後に、種分化モデルの種数の推移を図 9 に示す。縦軸は種数と分離比歪み遺伝子 (Segregation Distortion Gene; SDG) の数、そして横軸が世代数である。図中の紫色の線は分離比歪み遺伝子の数である。第 2.4 節でも説明

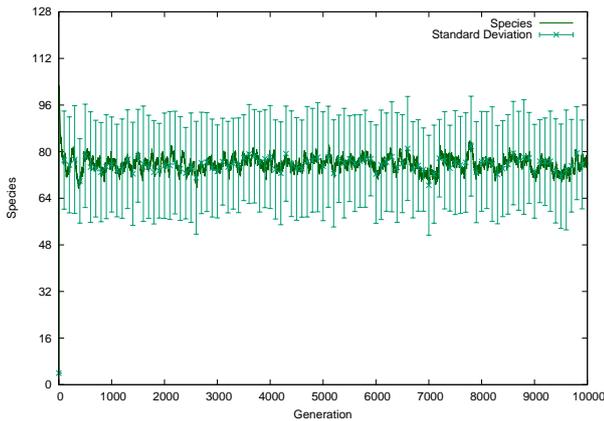


図 7 基準進化モデルにおける種数.

Fig. 7 Species in standard evolution model.

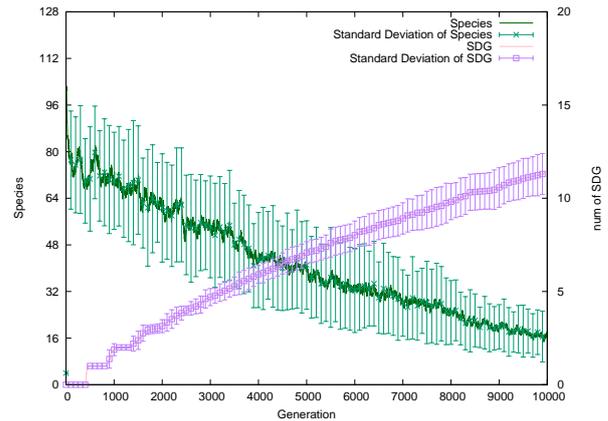


図 9 種分化モデルにおける種数.

Fig. 9 Species in speciation model.

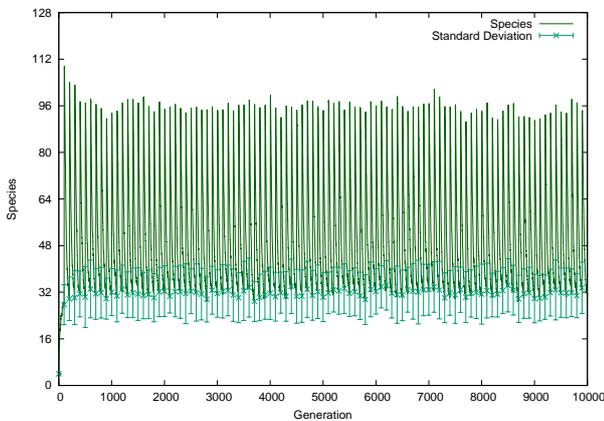


図 8 島選択モデルにおける種数.

Fig. 8 Species in island selection model.

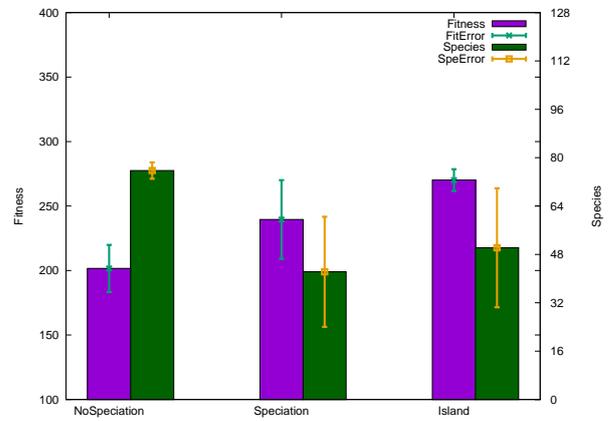


図 10 各モデルにおける 1 世代あたりの適応度と種数.

Fig. 10 Fitness and species per generation in each models.

したように、分離比歪み遺伝子が生成されるほど、遺伝的操作が行われなくなる。そのため、この値が大きいほど遺伝的操作を抑える力が強くなる。図 9 から、分離比歪み遺伝子が多くなり、遺伝的操作を抑えられるほど種数も抑えられていき、最終的には 16 種ほどになっている。

3.2.3 1 世代あたりの適応度と種数

適応度と種数の結果をまとめたものを図 10 に示す。これは各モデルにおける 1 世代で得られた適応度と種数の平均である。縦軸が適応度 (左軸) と種数 (右軸)、そして横軸がモデル名である。紫色の棒グラフはそのモデルが 1 世代で得られた適応度を表しており、そして濃い緑色の棒グラフがそのモデルの 1 世代あたりの種数を表している。また、薄い緑色の線は適応度の標準偏差、そしてオレンジ色の線は種数の標準偏差を示す。

島選択モデルは多様性を創出・維持させるために設計されたモデルである。しかし、図 10 で示された結果は多様性が維持されていない。その理由として、本研究では全モデルで総個体数を一定にして比較をしている。そのため、島選択モデルの場合、1 つの島に属する個体数が少なくなっ

ており、結果として種数が抑えられた。母集団を分割するのではなく、母集団と同じ規模の集団をいくつか作るという手法をとれば種数はさらに増えると考えられる。

図 10 からは、適応度が高い 2 モデルはともに種数が抑えられており、適応度を上げるには種数を抑えることが必要である可能性が示唆されている。そこで、適応度と種数の関係を明らかにするため、種分化モデルを用いて追加実験を行なった。

3.2.4 追加実験：種分化モデルにおける多様性と適応度の関係

種分化モデルにおける適応度と種数を調べた結果を図 11 に示す。縦軸が適応度および種数、そして横軸が Th である。この Th という値は第 2.4 節で示したように、どれくらいの間隔で分離比歪み遺伝子を生成させるかを定めるパラメータである。この値が大きければ大きいほど分離比歪み遺伝子は生成されにくくなる。つまり、 Th が大きいほどよく遺伝的操作が起こり、種数が増加する。

図 11 から Th を増やしていくと徐々に適応度も種数も上昇していくことが分かる。しかし、基準進化モデルと同

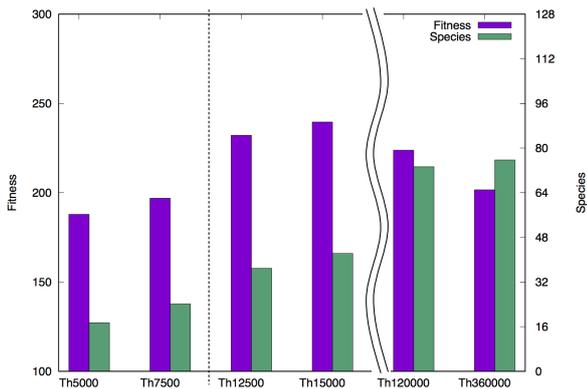


図 11 種分化モデルにおける適応度と種数の関係。
Fig. 11 Fitness and species in speciation model.

程度の種数が維持されるレベルまで Th を増やすと、逆に適応度が低下することが確かめられた。

これらのことから、種分化モデルにおいては種数を抑えれば抑えるほど適応度は上昇するわけではなく、また、逆に種数を多く維持しすぎても同じように適応度は高くなることを示された。

4. 議論

基準進化モデルにおいて、集団の平均適応度を高く維持することができなかった理由を考察する。基準進化モデルの島選択モデル及び種分化モデルと異なる部分は、遺伝的操作が制限されていない、という部分である。島選択モデルでは、島単位に区切ることによって移住が生じるまで他の島に属するプレイヤーと遺伝的操作ができないようになっている。また、種分化モデルは分離比歪み遺伝子によって遺伝的操作が制限されるようになっている。遺伝的操作が制限されないと、次々とプレイヤーの戦略が激しく変化する。そうすると、その集団における適応度を高める行動の仕方も変わってしまうため、集団の平均適応度を上げることができなかったのではないかと考えられる。

島選択モデルについては、母集団を分割することによって各島における種の数が抑えられている。そのため、各島で互いに協調を取るプレイヤーを見つけやすくなり、高い適応度を獲得できたのではないかと考えられる。

種分化モデルについては、このモデルは第 2.4 節で説明したように、分離比歪み遺伝子が生成されるにつれ、徐々に交叉できるプレイヤーが制限されていくモデルである。分離比歪み遺伝子の生成もランダムに生成されるのではなく、累積回数が多い場所から順に生成されていく。そのため、よく使われている遺伝子座の遺伝子を保護する方向に力が働くのではないと思われる。また、一度分離比歪み遺伝子が生成された場所では、分離比歪み遺伝子同士が存在していなければ遺伝的操作が行われず、そうして徐々に

に進化の方向が決められることで、協調を取り合うようなプレイヤーの組み合わせを見つけやすくなったのではないかと考えられる。

また、第 3.2.3 節で示した図 10 からは、種分化モデルが島選択モデルに迫る程に集団の平均適応度を上げることに成功することが確かめられた。このことから種分化モデルは、島選択モデルよりも少ない種類のパラメータでコストを抑えることができ、なおかつ島選択モデルと同程度のパフォーマンスを発揮することができる可能性があることが示唆される。

5. 結論

本研究では、進化ゲーム理論において種分化がどのような影響を与えるのかについて検証した。それを確かめるために、進化型繰り返し囚人のジレンマゲームにおいて種分化の概念を導入したプレイヤーの進化モデルを提案した。提案したモデルの他に基準進化モデル・島選択モデルの 2 種類のモデルを採用して進化シミュレーション実験を行った。この進化シミュレーション実験の結果、種分化の概念を導入することによって遺伝的操作が抑えられ、導入しないモデルよりも適応度が高くなることを示した。また、1 つの島に属するプレイヤーの数を抑えることで結果的に多くの種数を維持できなくなった島選択モデルにおいても、同様の結果になることを示した。さらに、追加実験の結果から EIPDG において、ただ種数を制御するだけでは適応度を増やすことが出来ないことを示した。これらのことから、進化ゲーム理論において、集団内の協調状態を維持するための戦略の創発には多様性を適切に制御する必要があることが示唆される。

また、EIPDG に種分化を導入することで、導入しないモデルよりも適応度が向上した理由として、分離比歪み遺伝子が生成されることによって徐々に進化の方向性が定まってくるからであると考えられる。進化の方向性が定まってくることで、生き残っていけるプレイヤーが決まる。生き残っていけるプレイヤーが決まれば、その生き残っていけるプレイヤーの中でお互いに適応度を高め合える組み合わせを見つけやすくなる。その結果として集団の平均適応度を上げることができたのだらうと結論付ける。

参考文献

- [1] Barton, N.H., Briggs, D.E.G., Eisen, J.A., Goldstein, D.B., Patel, N.H., (宮田 隆, 星山 大介 監訳), 「進化-分子・個体・生態系-」, メディカル・サイエンス・インターナショナル, 2009.
- [2] Futuyma, D.J., (岸 由二 翻訳), 「進化生物学」, 蒼樹書房, 1991.
- [3] 伊庭 齊志, 「遺伝的アルゴリズム」, 医学出版, 2002.
- [4] Li, J.P., Balazs, M.E., Parks, G.T., Clarkson, P.J., A species conserving genetic algorithm for multimodal function optimization, *Evolutionary Computation* 10

(3) :207-234.2002.

- [5] Lindgren, K., Evolutionary phenomena in simple dynamics, *Artificial Life 2*, pp.295-311, 1991.
- [6] 三木 光範, 畠中 一幸, 並列分散 GA による計算時間の短縮と解の高品質化, 日本機械学会「第3回最適化シンポジウム」投稿論文, 1998.
- [7] 宮下 直, 千葉 聡, 井鷲 裕司, 「生物多様性と生態学-遺伝子・種・生態系」, 朝倉書店, 2012.
- [8] 大浦 宏邦, 「社会科学者のための進化ゲーム理論」, 勁草書房, 2008.
- [9] 岡田 章, 「ゲーム理論」, 有斐閣, 2011.
- [10] 曾根田 拓也, 大西 圭, 種分化を伴う遺伝的アルゴリズム, *The 29th Fuzzy System Symposium*, 2013.
- [11] 渡辺 隆裕, 「ゼミナール ゲーム理論入門」日本経済新聞出版社, 2008.